

UNITÉ DE RECHERCHE
SUR LA PRODUCTIVITÉ
DES PLANTATIONS
INDUSTRIELLES

Boîte Postale 1291
POINTE-NOIRE
République du Congo
Tél. (242) 94 31 84
Fax (242) 94 47 95
e-mail : UR10@calvacom.fr

SÉLECTION DES ORTETS D'E. UROPHYLLA X E. GRANDIS
dans les parcelles R 92-04 et R 92-05.

GOUMA Raphaël
BOUVET Jean Marc
SAYA Aubin Rachel

Mars 1998

ECO S. A.

CONGO

CIRAD

Association régie par la loi du 1er juillet 1901

INTRODUCTION

La sélection des ortets est l'une des étapes importantes de la sortie variétale dans le cadre de la Sélection Récurrence Réciproque. Elle désigne les meilleurs individus de chaque famille de pleins-frères, qui seront ensuite développés sous forme de clones.

C'est au sein des dispositifs appelés "test clonaux" que ces clones seront ensuite comparés. À ce niveau interviendra la sélection finale, afin de retenir les clones les plus performants sur les caractères de croissance et de forme. En accord avec l'industriel, cette dernière étape s'affinera à partir de cette année avec la mise en place des tests multi-sites.

La sélection des ortets a porté sur les caractères de production et de forme. Elle a été réalisée de deux façons différentes dans les deux parcelles. La sélection par index a été utilisée pour le plan factoriel (R92-04). Nous avons classés en fonction du volume pour la parcelle R92-05 (Comparaison variétés familles/variétés clones) compte tenu de l'absence de dispositif. Dans les deux cas, une visite de terrain a permis de valider ces résultats.

Cette note fait état de la méthodologie de sélection, des caractéristiques agronomiques et de la répartition spatiale des ortets sélectionnés pour chaque essai.

I - LE PLAN FACTORIEL R92-04

Ce plan factoriel a été mis en place entre le 29/03 et 08/04/1993 sur le "plateau recherche CTFT" de kissoko. L'essai a reçu une fertilisation de départ de 150 grammes de 13-13-21 par plant. Le dispositif est en blocs incomplets (32 blocs), 118 familles y sont représentées.

La croissance est évaluée à partir de la hauteur (Ht) et de la circonférence (C) à 130 cm du sol, la mesure des caractères de forme porte exclusivement sur la rectitude (REC), les grosses branches (GB), les petites branches (PB) et les fourches (F). La rectitude a été notée de 1 à 5 ; les individus aux fûts les plus rectilignes sont ceux qui ont les notes les plus faibles. Les grosses branches et les petites branches sont comptées jusqu'à 1/3 de la hauteur. Le nombre de fourches est comptée de la base au sommet de l'arbre.

Les observations portant sur l'état sanitaire des individus ont été aussi notifiées (exemple : mortalité, gommose, dwarf, attaqué ...).

Un plan d'ensemble avec les individus sélectionnés, la description du dispositif, figurent en annexes (2 à 4).

Le système de repérage dans ce plan d'ensemble est constitué respectivement des numéros de la répétition, du bloc, de la famille et de l'individu dans le plateau.

La localisation des individus dans le plateau est indiquée dans la figure 1 ci-dessous ; sachant que chaque plateau a 16 individus dont le premier est sur la première ligne en haut à gauche par rapport au Nord, l'individu N°5 est sur la seconde ligne en haut à gauche par rapport au Nord et ainsi de suite jusqu'à l'individu N°16. Ce dernier est sur la quatrième et dernière ligne en bas à droite par rapport au Nord. Il se remarque sur le terrain car à son pied se trouve une pancarte signalétique de la famille.

Figure 1 : Numérotation des individus au sein d'un plateau élémentaire.

				Nord
				↑
1	2	3	4	
5	6	7	8	
9	10	11	12	
13	14	15	16 _{pancarte}	

L'ortet porte un numéro de deux chiffres qui l'identifie des autres ; le premier est le code de l'hybride (exemple 18 pour *Eucalyptus urophylla* x *E. grandis*) et le second est son numéro d'ordre dans la sélection.

La numérotation décrite ci-dessus n'est valable que pour le plan factoriel. Pour la parcelle R92-05, tous les individus de la famille se retrouvent au sein d'une parcelle unique ; ils sont numérotés de 1 à 180 (dans le sens Ouest-Est et du Nord au Sud).

II - MÉTHODE DE SÉLECTION

2.1 - Plan factoriel R92-04 :

Deux méthodes de sélection ont été utilisées conjointement pour choisir les ortets performants :

- la sélection par Index qui inclue un effet famille et un effet individu dans la famille.

Nous avons accordé plus de poids à cette sélection ;

- la deuxième, la sélection phénotypique qui consiste à sélectionner visuellement. Elle nous a permis de valider les résultats de la précédente sélection.

En fait, le calcul de l'Index donne l'estimation de la valeur génétique d'un individu à partir de sa valeur phénotypique P_{ijk} et de celle de ses apparentés.

La prédiction de la valeur génétique avec une structure en familles réparties en parcelles se rapporte à l'analyse du modèle de décomposition de la valeur d'un phénotype P_{ijk} suivant (GALLAIS, 1990) :

$$P_{ijk} = \mu + F_i + b_j + C_{ij} + H_{ijk} + e_{ijk} \quad \text{où :}$$

- * P_{ijk} est l'observation sur l'individu k de la famille i du bloc j ;
- * μ est la moyenne générale ;
- * F_i est l'effet de la famille i, variable aléatoire ;
- * b_j est l'effet du bloc j, effet considéré comme fixé ;
- * C_{ij} est l'effet milieu commun aux individus d'une même parcelle, variable aléatoire ;
- * H_{ijk} est l'effet génétique de l'individu k de la famille i du bloc j, variable aléatoire ;
- * e_{ijk} est la résiduelle, variable aléatoire.

Nous rappelons que cette estimation est fondée sur le principe de la prédiction linéaire qui montre que la régression des valeurs génotypiques sur les valeurs phénotypiques constitue le meilleur prédicteur linéaire (Best Linear Predictor ou BLP) en supposant que les valeurs phénotypiques et génotypiques sont des distributions gaussiennes. La technique du BLP privilégie donc les individus dont les apparentés sont les meilleurs et les plus nombreux.

L'Index pouvant être une combinaison linéaire des valeurs phénotypiques de n caractères différents sur lesquels on désire sélectionner, il y a lieu de justifier le choix que nous avons adopté. Notre attention s'est portée sur le volume, car dans ces conditions d'homogénéité relative des parcelles avec une mortalité réduite, il est un bon prédicteur du potentiel de production ligneuse.

D'après GALLAIS (1990), en matière de prédiction de la valeur génétique d'un individu, le problème est de prévoir la valeur génotypique G_{ijk} connaissant les différents P_{ijk} en utilisant au mieux l'information. La seule considération de P_{ijk} pour G_{ijk} ramène au problème de prévoir la valeur d'un génotype connaissant son phénotype. La prise en considération des individus apparentés à l'individu ijk doit amener une information supplémentaire sur sa valeur

génotypique. Ces apparentés peuvent provenir de la même parcelle, ou de parcelles différentes. L'ensemble des prédicteurs possibles se regroupent alors en trois prédicteurs indépendants :

$$\tilde{F}_i = P_{i..} - P_{...} \text{ (effet famille)}$$

$$\tilde{C}_{ij} = P_{ij.} - P_{i..} - P_{.j.} + P_{...} \text{ (effet milieu commun aux individus d'une parcelle corrigé par l'effet bloc)}$$

$$\tilde{e}_{ijk} = P_{ijk} - P_{ij.} \text{ (effet individu d'une même parcelle)}$$

Par application du principe de prédiction linéaire, il est alors possible d'écrire directement l'équation de prédiction de G connaissant les valeurs phénotypiques de l'individu ijk et de ses apparentés, donc :

$$\hat{G}_{ijk} = \beta_1 \tilde{F}_i + \beta_2 \tilde{C}_{ij} + \beta_3 \tilde{e}_{ijk}$$

Comme les prédicteurs sont indépendants entre eux, les coefficients de régression multiple ($\beta_1, \beta_2, \beta_3$) sont les coefficients de simple régression linéaire de G avec le prédicteur considéré, donc :

$$\beta_1 = \text{cov } G_{ijk} \tilde{F}_i / \text{var } \tilde{F}_i$$

$$\beta_2 = \text{cov } G_{ijk} \tilde{C}_{ij} / \text{var } \tilde{C}_{ik}$$

$$\beta_3 = \text{cov } G_{ijk} \tilde{e}_{ijk} / \text{var } \tilde{e}_{ijk}$$

Le problème est d'estimer ces coefficients de régression. Les dénominateurs peuvent être déduits de l'analyse de variance (tableau ci-après). En effet, la variance des prédicteurs dans le cas d'un modèle équilibré, se relie directement au carré moyen associé à l'effet correspondant ; ainsi :

$$\text{Var } \tilde{F}_i = [(g-1)/g] (\sigma_{WF}^2 + n_i \sigma_P^2 + b_i n_i \sigma_F^2) / b_i n_i.$$

Le tableau d'analyse de variance se présente comme suit :

Tableau 1 : Analyse de variance et espérances des carrés moyens pour les effets aléatoires d'une expérience avec des familles étudiées en parcelles dans un dispositif en blocs complets.

Source de variation	dl	CM	Espérances CM
Famille	(g-1)	CM_F	$\sigma_{WF}^2 + n_i \sigma_P^2 + b_i n_i \sigma_F^2$
Parcelle	(b-1)(g-1)	CM_P	$\sigma_{WF}^2 + n_i \sigma_P^2$
Résiduelle	bg(n-1)	CM_e	σ_{WF}^2

GALLAIS (1990) démontre que les coefficients décrits plus haut ($\beta_1, \beta_2, \beta_3$) peuvent s'écrire :

$$\beta_1 = (n_i b_i) [\sigma_F^2 + (1/b_i n_i) (\sigma_G^2 - \sigma_F^2)] / CM_F$$

$$\beta_2 = (\sigma_G^2 - \sigma_F^2) / CM_P ;$$

$$\beta_3 = (\sigma_G^2 - \sigma_F^2) / CM_e.$$

Avec :

$$* CM_F = n_i b_i \sigma_F^2 + n_i \sigma_p^2 + \sigma_e^2 ;$$

$$* CM_P = \sigma_e^2 + n_i \sigma_p^2 ;$$

$$* CM_e = \sigma_e^2$$

On tient compte du déséquilibre ; on considère lors du calcul de chaque valeur génétique, du nombre d'individus présents dans la même parcelle (n_i) et du nombre d'individus dans la famille ($n_i b_i$). Ces valeurs (n_i) et ($n_i b_i$) sont des variables qui sont fonction de la mortalité et du nombre de répétition de chaque famille.

Les formules relatives aux trois coefficients ($\beta_1, \beta_2, \beta_3$) et carrés moyens (CM_F, CM_P, CM_e) telles qu'elles sont écrites en dernier lieu interviennent dans le calcul de l'index (cf. annexes).

2.2 - Parcelle R92-05 :

Cette parcelle est constituée de 15 familles d'hybrides *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis*. Les performances des familles sont comparées à celles des clones *E.PF1* (1-41, 1-105) et d'*E. 12ABL x saligna* (2-6, L2-123). Chaque famille ou clone a été mis en place sous forme de parcelle unique, l'ensemble des parcelles étant entouré de deux lignes de bordure ; le dispositif expérimental est donc inexistant. La plantation a eu lieu le 13 et 14/04/1993 avec une fertilisation de départ de 150g de N-P-K 13-13-21 par plant.

La sélection s'est opérée uniquement dans la famille 14-144 x 9-21 ; cette famille dite "famille élite" est déjà impliquée dans les recherches sur les QTL.

III - RÉSULTATS

Ces résultats sont obtenus grâce à deux programmes SAS qui permettent, d'une part le traitement préliminaire des données brutes et le calcul du volume, et d'autre part le calcul de l'Index (BARHEN, 1996).

Lors du traitement des données brutes, deux étapes importantes ont été effectuées. La première a consisté à éliminer les dwarfs et la seconde à filtrer tous les individus de hauteur inférieure à une valeur seuil liée au type de population.

3.1 - Le plan factoriel R92-04

Les données sur les caractères de croissance (hauteur et circonférence) ont été fournies par la campagne de mesure effectuée à 36 mois après la plantation, et le recépage des ortets sélectionnés a eu lieu le 23/02/98. La synthèse des principaux résultats est indiquée dans le tableau ci-dessous.

Tableau 2 : Caractéristiques du plan factoriel R90-11 et principaux résultats obtenus lors de la sélection entreprise à 67 mois après plantation.

Observation	valeur
Volume calculé à	36 mois
Population initiale	5737
Population après élimination des dwarfs	5504
Paramètre du filtre	Hauteur < 5,00 m
Population après filtre	4968
Nombre d'individus sélectionnés	200
Taux de sélection	4 %

N.B. : l'utilisation du filtre a permis d'éliminer la population d'individus très mal venants qui n'avaient pas été décrétés comme étant des dwarfs lors des mesures précédentes.

Avec ce taux de sélection, on est certain d'avoir englobé une part importante de la variabilité des familles de la population initiale ; le tableau 3 montre le degré de représentativité des familles.

Tableau 3 : Nombre d'individus sélectionnés par famille père et mère au taux de 4% au sein du plan factoriel R92-04.

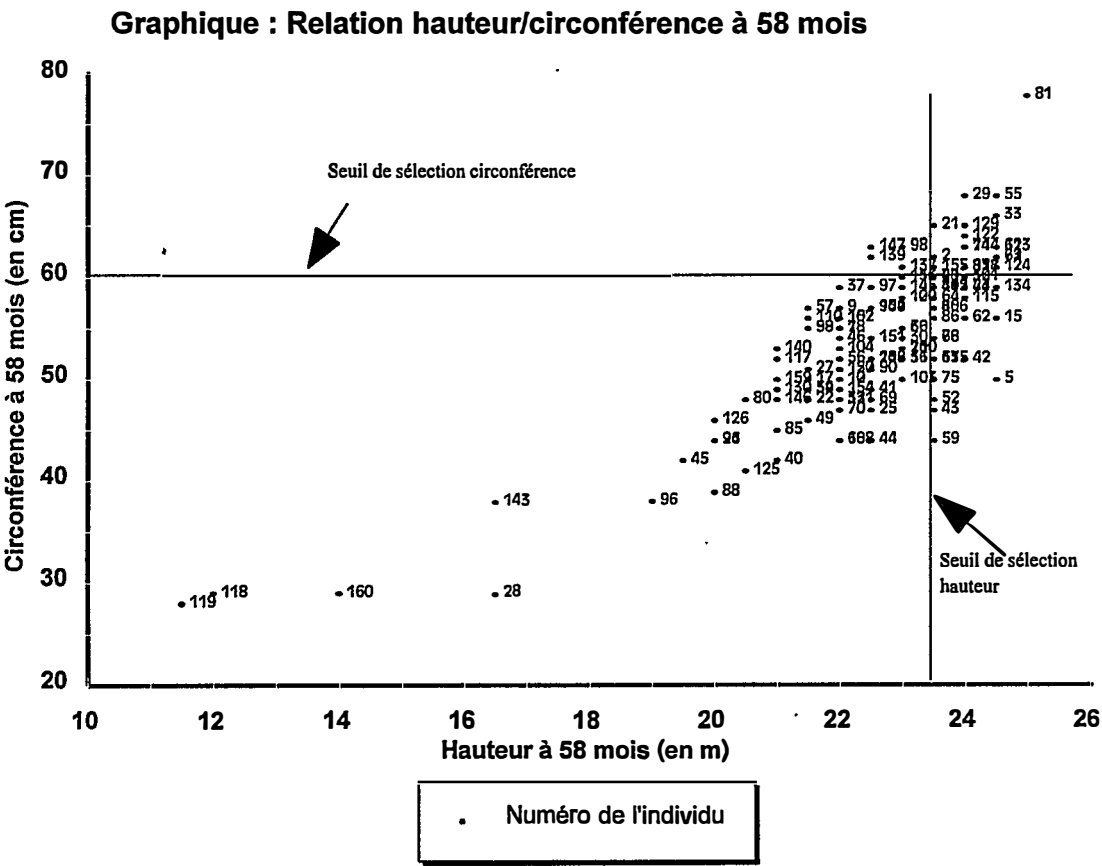
Mère	Père													total
	9-21	9-24	9-29	9-30	9-31	9-32	9-33	9-34	9-35	9-37	9-38	9-42	9-43	
14-109	19	10	1			3		2					1	36
14-110	5		1	1	1		1				2			11
14-123	5									2				7
14-128				1					1				2	4
14-133					3					1			1	5
14-138											1			1
14-142					5			15				1		21
14-144	6	3		1	3	1	4	2	2				2	24
14-145	7	2					2							11
14-146												1		1
14-37					2		1	1				2	1	7
14-59											1			1
14-63						7					18		1	26
14-73	3	1			1									5
14-74					9	2	5	1			4	4	5	30
14-76							2				7			9
14-85				1										1
total	45	16	2	4	24	13	15	21	3	3	33	8	13	200

Ainsi 59 familles représentées par 13 géniteurs mâles différents et 17 géniteurs femelles différents caractérisent le matériel végétal sélectionné.

3.2 - La parcelle R92-05

Les meilleurs individus de la famille 14-144 x 9-21 ont donc été classés en fonction du volume, la plantation étant âgée de 58 mois. 23,6 m de hauteur et 60 cm de circonférence sont apparues comme des limites inférieures acceptables après observation des distributions. Les ortets sélectionnés ont été recépés le 11/02/98, le graphique ci-après donne un aperçu de la partie qui les contient.

Au total 22 ortets ont été retenus ; ce qui correspond à un taux de sélection de 13,75 % par rapport à la population initiale. La liste des ortets sélectionnés se trouve en annexes.



V - CONCLUSION

Pour répondre aux desiderata de l'industriel, nous avons augmenté nos taux de sélection ; il a été de 4% pour le plan factoriel (au lieu de 2 à 3% dans les plans R89-20 et R90-10), et dans la famille 14-144 x 9-21, nous avons sélectionné au taux de 12,5%. Avec ces seuils, le matériel sélectionné apparaît très diversifié.

Une autre option intéressante à l'avenir sera de sélectionner avec des Index(s) où l'effet père, mère et l'interaction père x mère sont pris en compte, et avec des paramètres génétiques mieux estimés (en estimant la matrice des variances covariances génétique sur l'ensemble des premiers plans factoriels).

BIBLIOGRAPHIE

- * **BAR-HEN A., 1996.** Rapport de mission -URPPI, Pointe-Noire (Congo) du 12 -30 novembre 1996. CIRAD-Forêt UR AnIS, Montpellier.
- * **GALLAIS A., 1990.** Théorie de la sélection en amélioration des plantes. Masson, Paris, 588 p.
- * **SAS INSTITUTE INC., 1988.** SAS / STAT user's guide, Release 6.03 Edition. Sas Institute Inc, Cary, NC, USA. 1028 p.

VI - ANNEXES

6.1 - Programme SAS pour le calcul d'un Index

```

*****calcul d'un index de sélection *****;
*****avec famille rep. Les notations sont celles de Gallais chap 2.1;
***la variable bloc se nomment rep ;

libname d 'c:\bivoua\planfact\r90_10';
option ls=77 nocenter;

****calcul des composantes pour l'effet famille, parcelle et résiduelle;
proc mixed data=d.r901068 method=reml;
class fam rep;
model vi68=rep ;
random fam rep*fam;
make covparms out=car_moy;
run;

  **prépare le fichier pour le mix final;
data car_moy;
retain var_fam var_parce var_res;
set car_moy end=final;
if trim(COVARM)='FAM' then var_fam=est;
if trim(COVARM)='FAM*REP' then var_parce=est;
if trim(COVARM)='Residual' then var_res=est;
mixage=.;
if final then output;
keep var_fam var_parce var_res mixage;
run;

****calcul des comp. de la var sur père mère a partir des moy de bloc****;

proc sort data=d.r901068;
by rep fam ;
run;

proc means data=d.r901068 noprint;
var vi68;
by rep fam;
output out=moy mean=moy;

data parbloc;
merge d.r901068 moy;
by rep fam;
run;

```

```
proc sort data=parbloc nodupkey; **supprime les doublons**;  
by rep fam;  
run;
```

```
proc mixed data=parbloc method=reml;  
class p m rep;  
model vi68=rep;  
random p m p*m;  
make covparms out=genet;  
run;
```

```
data genet;  
retain varpere varmere varinter;  
set genet end=final;  
if trim(COVPARM)='P' then varpere=est;  
if trim(COVPARM)='M' then varmere=est;  
if trim(COVPARM)='P*M' then varinter=est;  
mixage=.;  
if final then output;  
keep varpere varmere varinter mixage;  
run;
```

```
****calcul des effets**;
```

```
**moyenne totale;  
proc means data=d.r901068 noprint;  
var vi68;  
output out=mtot mean=mtvi68;  
run;  
***cree une fausse var pour relier les fichiers ensuite;
```

```
data mtot;  
set mtot;  
mixage=.;  
run;
```

```
***moyenne par famille et nb d'ind. par famille;  
proc sort data=d.r901068;  
by fam;  
run;  
proc means data=d.r901068 noprint;  
var vi68;  
by fam;  
output out=mfam mean=mfvi68 n=n_ib_i;  
run;
```

```
***moyenne par bloc;  
proc sort data=d.r901068;
```

```

by rep;
run;
proc means data=d.r901068 noprint;
var vi68;
by rep;
output out=mbloc mean=mbvi68;
run;

```

```

***moyenne par famille et bloc;
proc sort data=d.r901068;
by fam rep;
run;
proc means data=d.r901068 noprint;
var vi68;
by fam rep;
output out=mfabl mean=mbvi68 n=n_i;
run;

```

***fichier de tous les paramètres utiles;

```

proc sort data=d.r901068;
by fam;
proc sort data=mfam;
by fam;
data final;
merge d.r901068 mfam;
by fam;
run;

```

```

proc sort data=final;
by rep;
proc sort data=mbloc;
by rep;
data final;
merge final mbloc;
by rep;
run;

```

```

proc sort data=final;
by fam rep;
proc sort data=mfabl;
by fam rep;
data final;
merge final mfabl;
by fam rep;
mixage=.;

```

```

run;
  ***inclut la moy totale et les CM;
data predict;
merge final mtot car_moy genet;
by mixage;
drop mixage;
run;

data predict;
set predict;
***a partir de la premiere proc mixed;
CM_fam=(n_ib_i*var_fam)+(n_i*var_parce)+var_res;
CM_parce=var_res+(n_i*var_parce);
CM_res=var_res;
*****a partir de la 2eme proc mixed;
  ***variance génétique;
var_gen=2*(varpere+varmere)+(4*varinter);
  ***variance famille;
varfam=varpere+varmere+varinter;
  **coef de regression;
beta_1=(n_ib_i)*(Var_fam+(1/(n_ib_i))*(var_gen-var_fam))/(CM_fam);
beta_2=(var_gen-var_fam)/(CM_parce);
beta_3=(var_gen-var_fam)/(CM_res);
  *****calcul de F_i, C_ij, e_ijk;
F_i=mfvi68-mtvi68;
C_ij=mfbvi68-mfvi68-mbvi68+mtvi68;
e_ijk=vi68-mfbvi68;
  *****calcul de la valeur predictive;
G=beta_1*f_i+beta_2*c_ij+beta_3*e_ijk;
run;

/*
*****sortie des resultats*****;
proc sort data=predict;
by descending vi68 ;
  by descending g;
run;
proc print data=predict ;
var rep bloc p m fam ind h68 c68 vi68 g n_ib_i n_i gb39 rec39 f39 ;
run ;
*/

data predict ;
set predict ;
if g<0.11202 then delete ;
run ;

```

```
proc sort data=predict;
by descending vi68 ;
  by descending g;
run;
```

```
proc print data=predict ;
var rep bloc p m fam ind h68 c68 vi68 g n_ib_i n_i gb39 rec39 f39 ;
run ;
```

```
/*
proc sort data=predict;
by rep bloc fam ind;
run;
```

```
proc print data=predict ;
var rep bloc p m fam ind h68 c68 vi68 g n_ib_i n_i gb39 rec39 f39 ;
run;
*/
```

```
/*
***pour voir la différence avec la sélection phénotypique;
proc corr data=predict;
var g vi68;
run;
```


Légende des tableaux :

REP : Répétition

FAM : Famille

IND : Individu

VI36 : Volume individuel (puis l'âge en mois)

G : Index

GB36 : Grosses branches (puis l'âge en mois)

PB 36: Petites branches (puis l'âge en mois)

REC36 : Rectitude (puis l'âge en mois)

F36 : Nombre de fourches (puis âge en mois)

Tableau 4 : Ortets sélectionnés de l'essai R92-04 à 36 mois après plantation. Le taux de sélection est de 4% correspondant à 200 arbres.

N° CLONE	BLOC	REP	FAM	IND	PÈRE	MÈRE	VI36	G	GB36	REC36	F36
18-587	1	1	83	5	9-30	14-128	0,12379	0,036584	0	2	0
18-588	1	1	68	13	9-38	14-76	0,11006	0,034567	0	2	0
18-589	1	1	6	14	9-31	14-37	0,12080	0,032655	0	2	0
18-590	1	1	68	15	9-38	14-76	0,12080	0,040755	1	3	1
18-591	2	1	11	1	9-42	14-37	0,11611	0,033935	5	2	0
18-592	2	1	10	1	9-42	14-74	0,10854	0,033868	1	2	0
18-593	2	1	10	4	9-42	14-74	0,11113	0,035365	5	2	0
18-594	2	1	71	6	9-34	14-142	0,11943	0,041128	0	3	0
18-595	2	1	71	9	9-34	14-142	0,11788	0,040239	0	3	0
18-596	2	1	65	13	9-32	14-63	0,13792	0,050106	0	2	0
18-597	2	1	71	13	9-34	14-142	0,13543	0,050352	1	2	0
18-598	2	1	71	15	9-34	14-142	0,10833	0,034730	1	2	0
18-599	3	1	17	4	9-33	14-110	0,12558	0,033929	4	2	0
18-600	4	1	27	2	9-21	14-145	0,11907	0,035483	1	2	0
18-601	4	1	27	5	9-21	14-145	0,12738	0,040269	0	2	0
18-602	4	1	27	6	9-21	14-145	0,12770	0,040456	1	2	0
18-603	4	1	31	7	9-34	14-109	0,14357	0,048181	2	2	0
18-604	4	1	27	13	9-21	14-145	0,12598	0,039462	0	2	0
18-605	5	1	35	2	9-21	14-123	0,11907	0,037057	1	2	0
18-606	5	1	39	4	9-33	14-145	0,11841	0,034080	1	2	0
18-607	5	1	35	4	9-21	14-123	0,13046	0,043620	0	2	0
18-608	5	1	37	10	9-32	14-74	0,12200	0,037652	3	1	0
18-609	5	1	35	13	9-21	14-123	0,11777	0,036304	0	3	0
18-610	5	1	40	15	9-33	14-144	0,13455	0,046440	2	3	0
18-611	5	1	40	16	9-33	14-144	0,12379	0,040235	0	3	0
18-612	6	1	46	15	9-21	14-144	0,12020	0,039881	2	1	0

N° CLONE	BLOC	REP	FAM	IND	PÈRE	MÈRE	VI36	G	GB36	REC36	F36
18-614	7	1	49	4	9-31	14-74	0,11279	0,036214	0	2	0
18-615	7	1	53	4	9-35	14-144	0,13543	0,046521	14	2	0
18-616	7	1	49	6	9-31	14-74	0,11788	0,039149	0	2	0
18-617	7	1	76	6	9-43	14-63	0,12425	0,040469	0	2	0
18-618	7	1	93	9	9-38	14-138	0,12042	0,033261	2	2	0
18-619	7	1	49	9	9-31	14-74	0,11279	0,036214	1	2	0
18-620	7	1	49	11	9-31	14-74	0,12301	0,042101	3	2	0
18-621	7	1	52	12	9-21	14-109	0,10355	0,034729	1	2	0
18-622	7	1	51	12	9-24	14-145	0,12606	0,039388	1	2	0
18-623	7	1	52	13	9-21	14-109	0,10514	0,035647	0	2	0
18-624	7	1	52	14	9-21	14-109	0,14773	0,060195	4	2	0
18-625	7	1	52	16	9-21	14-109	0,10782	0,037190	4	3	0
18-626	8	1	92	3	9-31	14-142	0,15189	0,059025	2	2	0
18-627	8	1	92	7	9-31	14-142	0,11217	0,036132	0	2	0
18-628	8	1	92	9	9-31	14-142	0,12200	0,041794	0	2	0
18-629	8	1	57	11	9-43	14-144	0,12200	0,036633	0	1	0
18-630	8	1	67	12	9-43	14-74	0,12080	0,039621	1	2	0
18-631	9	2	49	1	9-31	14-74	0,11611	0,036664	1	2	0
18-632	9	2	69	5	9-43	14-128	0,14508	0,044578	0	2	0
18-633	9	2	41	9	9-31	14-144	0,11907	0,037339	0	2	0
18-634	9	2	49	11	9-31	14-74	0,11006	0,033179	0	2	0
18-635	9	2	25	12	9-24	14-109	0,12917	0,043206	9	2	0
18-636	10	2	86	1	9-38	14-63	0,10242	0,034748	0	2	0
18-637	10	2	86	5	9-38	14-63	0,10389	0,035595	2	2	0
18-638	10	2	90	5	9-35	14-128	0,14773	0,050025	0	2	0
18-639	10	2	18	5	9-21	14-110	0,11943	0,033607	0	1	0
18-640	10	2	67	8	9-43	14-74	0,12425	0,037210	1	2	0
18-641	10	2	34	15	9-29	14-110	0,12425	0,035355	2	1	0
18-642	10	2	18	15	9-21	14-110	0,14123	0,046177	2	1	0
18-643	10	2	86	16	9-38	14-63	0,11006	0,039153	1	1	0
18-644	11	2	27	2	9-21	14-145	0,13115	0,043454	0	2	0
18-645	11	2	11	3	9-42	14-37	0,12200	0,033691	2	2	0
18-646	11	2	27	5	9-21	14-145	0,12425	0,039476	0	2	0
18-647	11	2	65	7	9-32	14-63	0,16257	0,061586	0	2	0
18-648	11	2	27	7	9-21	14-145	0,12080	0,037486	2	2	0
18-649	11	2	65	9	9-32	14-63	0,12770	0,041490	2	2	0
18-650	11	2	89	9	9-33	14-37	0,14357	0,044586	9	2	0
18-651	11	2	35	12	9-21	14-123	0,11943	0,034554	0	2	0
18-652	11	2	65	13	9-32	14-63	0,12425	0,039500	0	2	0
18-653	12	2	52	1	9-21	14-109	0,12673	0,047080	3	2	0
18-654	12	2	52	3	9-21	14-109	0,12200	0,044349	4	2	0
18-655	12	2	52	4	9-21	14-109	0,11735	0,041671	1	2	0
18-656	12	2	52	10	9-21	14-109	0,12253	0,044655	2	2	0
18-657	13	2	61	6	9-24	14-73	0,13524	0,039913	5	2	0
18-658	13	2	95	8	9-43	14-133	0,13849	0,040760	0	3	0
18-659	14	2	68	1	9-38	14-76	0,11006	0,032762	0	1	0
18-660	14	2	62	3	9-24	14-144	0,14852	0,047387	0	1	0

N° CLONE	BLOC	REP	FAM	IND	PÈRE	MÈRE	VI36	G	GB36	REC36	F36
18-662	14	2	106	5	9-37	14-123	0,11841	0,035244	0	3	0
18-663	14	2	106	9	9-37	14-123	0,11390	0,032645	2	2	1
18-664	14	2	68	9	9-38	14-76	0,10992	0,032680	0	2	0
18-665	14	2	92	11	9-31	14-142	0,12576	0,043573	4	3	0
18-666	14	2	68	12	9-38	14-76	0,12738	0,042742	0	2	0
18-667	14	2	92	13	9-31	14-142	0,12917	0,045542	1	2	0
18-668	14	2	46	13	9-21	14-144	0,11777	0,037135	0	1	0
18-669	14	2	68	13	9-38	14-76	0,11159	0,033643	0	2	0
18-670	14	2	46	16	9-21	14-144	0,11045	0,032915	0	2	0
18-671	15	2	39	1	9-33	14-145	0,13232	0,040270	1	1	0
18-672	15	2	31	3	9-34	14-109	0,13605	0,041512	2	2	0
18-673	15	2	55	5	9-34	14-37	0,13736	0,037468	3	3	0
18-674	15	2	23	16	9-43	14-37	0,12917	0,033371	1	2	0
18-675	16	2	56	1	9-33	14-74	0,12379	0,038527	0	2	0
18-676	16	2	71	1	9-34	14-142	0,14123	0,052589	6	2	0
18-677	16	2	56	2	9-33	14-74	0,13097	0,042663	4	3	1
18-678	16	2	56	5	9-33	14-74	0,13941	0,047528	2	2	0
18-679	16	2	88	7	9-37	14-133	0,13648	0,039500	0	3	0
18-680	16	2	71	7	9-34	14-142	0,12020	0,040466	3	3	0
18-681	16	2	40	8	9-33	14-144	0,11445	0,033716	1	2	0
18-682	16	2	71	8	9-34	14-142	0,12253	0,041806	6	2	0
18-683	16	2	71	10	9-34	14-142	0,11470	0,037294	0	1	0
18-684	16	2	56	11	9-33	14-74	0,13543	0,045236	0	2	0
18-685	16	2	71	13	9-34	14-142	0,13930	0,051474	0	2	0
18-686	17	3	28	4	9-31	14-110	0,13732	0,042717	8	2	0
18-687	17	3	65	10	9-32	14-63	0,12080	0,040365	0	2	0
18-688	18	3	86	1	9-38	14-63	0,11907	0,043195	1	2	0
18-689	18	3	86	2	9-38	14-63	0,12200	0,044879	2	3	0
18-690	18	3	86	3	9-38	14-63	0,12738	0,047981	0	2	0
18-691	18	3	44	3	9-21	14-73	0,12080	0,037551	0	2	0
18-692	18	3	86	9	9-38	14-63	0,10113	0,032851	1	2	0
18-693	18	3	44	10	9-21	14-73	0,11390	0,033572	0	2	0
18-694	18	3	86	11	9-38	14-63	0,12200	0,044879	0	1	0
18-695	18	3	86	12	9-38	14-63	0,10854	0,037120	0	1	0
18-696	18	3	86	13	9-38	14-63	0,10242	0,033596	0	2	0
18-697	19	3	71	1	9-34	14-142	0,12917	0,045592	1	2	0
18-698	19	3	71	5	9-34	14-142	0,10833	0,033576	1	2	0
18-699	19	3	71	11	9-34	14-142	0,11777	0,039018	0	2	0
18-700	19	3	36	15	9-32	14-144	0,13156	0,038733	1	2	0
18-701	19	3	15	16	9-30	14-144	0,12673	0,035067	1	2	0
18-702	20	3	25	2	9-24	14-109	0,17035	0,067367	0	2	0
18-703	20	3	35	5	9-21	14-123	0,12080	0,037689	0	2	0
18-704	20	3	25	5	9-24	14-109	0,14317	0,051701	1	2	0
18-705	20	3	25	7	9-24	14-109	0,12917	0,043633	0	2	0
18-706	20	3	4	8	9-32	14-109	0,13350	0,039078	1	2	0
18-707	20	3	25	11	9-24	14-109	0,12917	0,043633	0	2	0
18-708	20	3	4	14	9-32	14-109	0,12769	0,035732	2	2	0

N° CLONE	BLOC	REP	FAM	IND	PÈRE	MÈRE	VI36	G	GB36	REC36	F36
18-709	20	3	25	14	9-24	14-109	0,14250	0,051315	0	2	0
18-710	21	3	58	5	9-31	14-73	0,13455	0,042086	0	1	0
18-711	21	3	5	6	9-34	14-144	0,12598	0,036957	1	2	0
18-712	21	3	68	8	9-38	14-76	0,11777	0,039795	0	2	0
18-713	22	3	6	2	9-31	14-37	0,13648	0,041075	3	2	0
18-714	22	3	24	2	9-38	14-74	0,11611	0,036097	0	2	0
18-715	22	3	59	3	9-30	14-110	0,13732	0,045094	1	2	0
18-716	22	3	41	4	9-31	14-144	0,12379	0,039644	0	2	0
18-717	22	3	41	8	9-31	14-144	0,13543	0,046353	0	2	0
18-718	23	3	18	1	9-21	14-110	0,13419	0,046347	0	1	0
18-719	23	3	18	4	9-21	14-110	0,13097	0,044490	0	1	0
18-720	23	3	109	4	9-30	14-85	0,13543	0,043410	0	3	0
18-721	23	3	49	8	9-31	14-74	0,10854	0,032674	0	2	0
18-722	23	3	75	12	9-33	14-76	0,13419	0,046204	2	2	0
18-723	23	3	38	16	9-38	14-110	0,12673	0,037812	1	2	0
18-724	24	3	52	1	9-21	14-109	0,13156	0,048478	0	2	0
18-725	24	3	52	2	9-21	14-109	0,11907	0,041281	2	2	0
18-726	24	3	52	5	9-21	14-109	0,10514	0,033249	2	2	0
18-727	24	3	52	7	9-21	14-109	0,11907	0,041281	0	2	0
18-728	24	3	82	9	9-34	14-74	0,11006	0,032917	1	2	0
18-729	24	3	100	11	9-38	14-59	0,12243	0,035051	1	2	0
18-730	24	3	52	11	9-21	14-109	0,11661	0,039863	6	2	0
18-731	24	3	52	14	9-21	14-109	0,13524	0,050601	0	2	0
18-732	24	3	52	16	9-21	14-109	0,11217	0,037302	3	3	0
18-733	25	4	18	2	9-21	14-110	0,13350	0,042318	0	2	0
18-734	25	4	114	3	9-42	14-142	0,13543	0,042971	2	2	0
18-735	25	4	62	3	9-24	14-144	0,18015	0,061564	2	1	0
18-736	25	4	62	4	9-24	14-144	0,13097	0,033216	0	1	0
18-737	25	4	56	14	9-33	14-74	0,13350	0,043022	2	2	0
18-738	25	4	107	15	9-42	14-146	0,12860	0,036002	4	2	0
18-739	25	4	44	16	9-21	14-73	0,11735	0,032637	2	2	0
18-740	26	4	46	4	9-21	14-144	0,11562	0,034250	0	1	0
18-741	26	4	46	8	9-21	14-144	0,13792	0,047099	0	2	0
18-742	26	4	91	12	9-29	14-109	0,13350	0,041559	3	2	0
18-743	26	4	46	16	9-21	14-144	0,13419	0,044951	0	2	0
18-744	27	4	25	1	9-24	14-109	0,18752	0,075861	1	2	0
18-745	27	4	25	2	9-24	14-109	0,12598	0,040391	0	2	0
18-746	27	4	65	7	9-32	14-63	0,11629	0,035484	0	1	0
18-747	27	4	25	8	9-24	14-109	0,12770	0,041385	1	2	0
18-748	27	4	65	9	9-32	14-63	0,11445	0,034423	0	2	0
18-749	27	4	25	11	9-24	14-109	0,11470	0,033889	0	2	0
18-750	28	4	4	4	9-32	14-109	0,12673	0,034258	0	2	0
18-751	28	4	40	4	9-33	14-144	0,11943	0,033937	0	2	0
18-752	28	4	69	10	9-43	14-128	0,13941	0,036838	0	2	0
18-753	29	4	71	3	9-34	14-142	0,12109	0,037799	1	2	0
18-754	29	4	24	4	9-38	14-74	0,14451	0,048037	0	2	0
18-755	29	4	67	9	9-43	14-74	0,13276	0,041920	0	1	0

N°	CLONE	BLOC	REP	FAM	IND	PÈRE	MÈRE	VI36	G	GB36	REC36	F36
	18-756	29	4	5	11	9-34	14-144	0,12598	0,034040	0	2	0
	18-757	29	4	67	11	9-43	14-74	0,12770	0,039005	2	2	0
	18-758	29	4	71	12	9-34	14-142	0,11279	0,033019	2	2	0
	18-759	29	4	71	13	9-34	14-142	0,12598	0,040619	2	2	0
	18-760	29	4	24	13	9-38	14-74	0,12107	0,034528	0	2	0
	18-761	29	4	67	15	9-43	14-74	0,12425	0,037015	1	2	0
	18-762	29	4	24	16	9-38	14-74	0,13543	0,042805	5	2	0
	18-763	30	4	57	1	9-43	14-144	0,13978	0,040596	0	2	0
	18-764	30	4	86	1	9-38	14-63	0,17197	0,069693	2	2	0
	18-765	30	4	86	2	9-38	14-63	0,13046	0,045765	1	1	0
	18-766	30	4	86	3	9-38	14-63	0,11312	0,035771	1	1	0
	18-767	30	4	37	6	9-32	14-74	0,13635	0,039942	0	2	0
	18-768	30	4	86	7	9-38	14-63	0,10846	0,033082	0	2	0
	18-769	30	4	51	7	9-24	14-145	0,12917	0,036557	0	2	0
	18-770	30	4	86	8	9-38	14-63	0,11151	0,034843	0	2	0
	18-771	30	4	86	9	9-38	14-63	0,13046	0,045765	3	1	0
	18-772	30	4	20	12	9-43	14-109	0,12963	0,037180	3	2	0
	18-773	30	4	86	14	9-38	14-63	0,11390	0,036218	0	2	0
	18-774	30	4	86	16	9-38	14-63	0,11159	0,034890	0	1	0
	18-775	31	4	52	1	9-21	14-109	0,11445	0,035890	0	2	0
	18-776	31	4	80	2	9-31	14-133	0,13246	0,035634	0	2	0
	18-777	31	4	52	2	9-21	14-109	0,11279	0,034934	0	2	0
	18-778	31	4	80	9	9-31	14-133	0,14954	0,045477	1	2	0
	18-779	31	4	52	10	9-21	14-109	0,13419	0,047267	0	2	0
	18-780	31	4	80	10	9-31	14-133	0,13316	0,036037	2	2	0
	18-781	31	4	52	11	9-21	14-109	0,13605	0,048341	0	1	0
	18-782	32	4	49	2	9-31	14-74	0,11788	0,034619	0	1	0
	18-783	32	4	49	3	9-31	14-74	0,14123	0,048078	0	2	0
	18-784	32	4	10	3	9-42	14-74	0,11907	0,034602	2	2	0
	18-785	32	4	75	12	9-33	14-76	0,12109	0,036485	0	2	0
	18-786	32	4	10	14	9-42	14-74	0,12109	0,035761	3	3	0

Tableau 5 : Effectif d'ortets sélectionnés par famille dans l'essai R92-04 (au taux de 4%).

PÈRE	MÈRE	FAM	NB IND.
9-21	14-123	35	5
9-21	14-145	27	7
9-21	14-110	18	5
9-21	14-109	52	19
9-21	14-73	44	3
9-21	14-144	46	6
9-24	14-144	62	3
9-24	14-145	51	2
9-24	14-109	25	10
9-24	14-73	61	1
9-29	14-110	34	1
9-29	14-109	91	1
9-30	14-110	59	1
9-30	14-128	83	1
9-30	14-85	109	1
9-30	14-144	15	1
9-31	14-37	6	2
9-31	14-74	49	9
9-31	14-144	41	3
9-31	14-73	58	1
9-31	14-133	80	3
9-31	14-142	92	5
9-31	14-110	28	1
9-32	14-63	65	7
9-32	14-74	37	2
9-32	14-144	36	1
9-32	14-109	4	3
9-33	14-37	89	1
9-33	14-110	17	1
9-33	14-144	40	4
9-33	14-74	56	5
9-33	14-76	75	2
9-33	14-145	39	2
9-34	14-74	82	1
9-34	14-142	71	15
9-34	14-109	31	2
9-34	14-37	55	1
9-34	14-144	5	2
9-35	14-144	53	2
9-35	14-128	90	1
9-37	14-123	106	2
9-37	14-133	88	1
9-38	14-63	86	18
9-38	14-59	100	1

(Suite du tableau)

PÈRE	MÈRE	FAM	NB IND.
9-38	14-138	93	1
9-38	14-110	38	2
9-38	14-76	68	7
9-38	14-74	24	4
9-42	14-74	10	4
9-42	14-142	114	1
9-42	14-146	107	1
9-42	14-37	11	2
9-43	14-63	76	1
9-43	14-144	57	2
9-43	14-37	23	1
9-43	14-74	67	5
9-43	14-128	69	2
9-43	14-133	95	1
9-43	14-109	20	1

Tableau 6 : Ortets sélectionnés de la parcelle R92-05 à 58 mois après plantation. Taux de sélection 12,5 % au sein de la famille élite 14-144 x 9-21, soit 22 arbres retenus.

N° ordre	N°clone	IND	HT58	C58	VI58	PB58	GB58	F58	REC58	MORT58
1	18-787	81	25,0	78	0,40366	1	0	0	1	0
2	18-788	55	24,5	68	0,30066	1	0	0	2	0
3	18-789	29	24,0	68	0,29452	8	0	0	2	0
4	18-790	33	24,5	66	0,28323	4	1	0	2	0
5	18-791	129	24,0	65	0,26911	18	0	0	2	0
6	18-792	122	24,0	64	0,26089	0	1	0	1	0
7	18-793	61	24,5	63	0,25807	25	0	0	1	0
8	18-794	123	24,5	63	0,25807	2	0	0	2	0
9	18-795	74	24,0	63	0,25280	3	0	0	2	0
10	18-796	114	24,0	63	0,25280	18	0	0	2	0
11	18-797	63	24,5	62	0,24994	1	0	0	2	0
12	18-798	72	24,5	62	0,24994	36	0	0	2	0
13	18-799	124	24,5	61	0,24194	0	1	0	2	0
14	18-800	1	24,0	61	0,23701	0	0	0	2	0
15	18-801	128	24,0	61	0,23701	29	0	0	2	0
16	18-802	87	24,0	61	0,23701	17	0	0	2	0
17	18-803	93	24,0	61	0,23701	1	1	0	2	0
18	18-804	111	24,0	61	0,23701	17	0	0	2	0
19	18-805	3	24,0	60	0,22930	40	0	0	1	0
20	18-806	50	24,0	60	0,22930	8	0	0	1	0
21	18-807	121	24,0	60	0,22930	4	0	0	1	0
22	18-808	13	24,0	60	0,22930	22	0	0	2	0

Répartition spatiale des ortets sélectionnés *don 192/09*

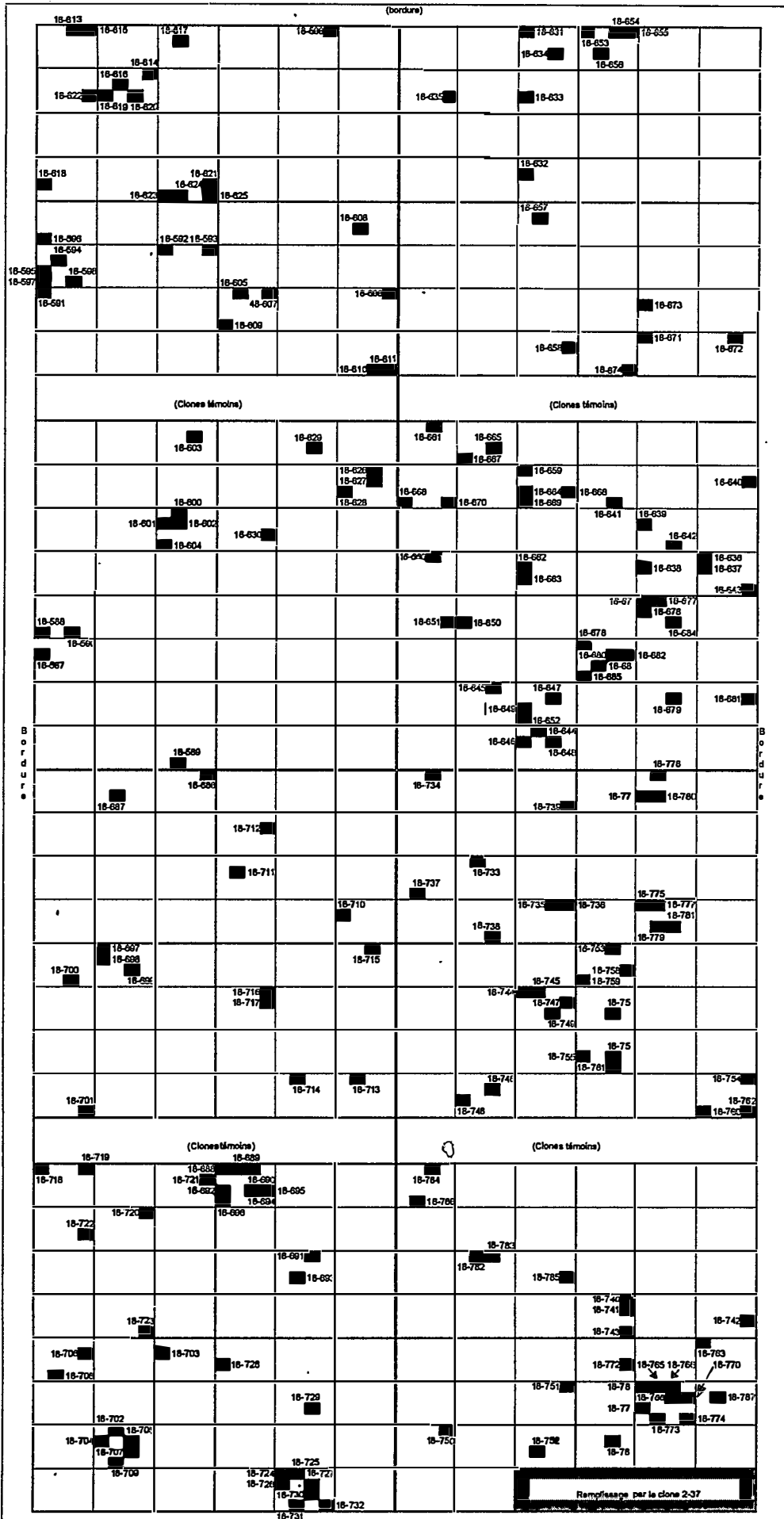


REP I

REP II

REP III

REPIV



Répartition spatiale des ortets sélectionnés dans la parcelle R92-05

